

## ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ НАСЕЛЕНИЯ ЦЕНТРАЛЬНОЙ РОССИИ

*В.С.Ващилин, И.Н.Сорокина, И.К.Аристова*  
Белгородский государственный университет  
Кафедра медико-биологических дисциплин  
Заведующий кафедрой — проф. М.И.Чурносов  
Научный руководитель — проф. М.И.Чурносов

Проведено изучение генетической дифференциации населения Центральной России с использованием различных типов маркеров: аутосомные ДНК маркеры, классические иммуно-биохимические, квазигенетические маркеры. По данным о частотах 56 аллелей 8 аутосомных ДНК маркеров (ACE, CCR5, eNOS, DAT1, hSERT, D1S80, PAH, ApoB) уровень генной дифференциации составил

271

$GST=0,0054$  (рассмотрено 6 районных популяций). Наибольший вклад в его формирование вносит локус CCR5 ( $GST=0,0089$ ). При рассмотрении распространенности 29 аллелей 11 локусов иммуно-биохимических систем (ABO, RH, ACPI, HP, GC, PGM1, C'3, ESD, TF, 6-PGD, GLO1) в этих же районных популяциях показатель генетической дифференциации равнялся  $=0,0035$ . Среди классических маркеров наибольший вклад в формирование генетической изменчивости популяций Центральной России вносит система HP ( $GST=0,0052$ ), а наименьший - C'3, TF, 6-PGD, PGM1 ( $GST<0,0025$ ). На основе данных о частотах квазигенетических маркеров (изучены более 60 тыс. семей) в 22 районных популяциях Центральной России установлен следующий уровень генного разнообразия населения —  $fr^*=0,0062$ . Таким образом, при сравнительном анализе уровня генетической дифференциации населения Центральной России с использованием данных по разным типам маркеров (аутосомные ДНК маркеры, иммуно-биохимические, квазигенетические) выявлено их совпадение —  $0,0035-0,0062$ , что свидетельствует о корректности полученных оценок генетического разнообразия населения Центральной России. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ и РГНФ.

272